



**QNome**  
纳米孔基因测序平台



**QNome-3841hex**  
桌面式纳米孔测序仪  
(设计通量30Gb)

**QNome-3841**  
便携式纳米孔测序仪  
(设计通量5Gb)

随时随地 即用即测

# 纳米孔测序平台

- 超长读长
- 实时测序
- 操作精简
- 小巧便携



微信公众号



微信视频号

400-800-2038

www.qitantech.com

business@qitantech.com

成都公司：成都市武侯区人民南路四段3号成都来福士广场办公楼T1-3101

北京公司：北京市海淀区建材城中路27号金隅智造工场N2楼101-130

广州公司：广州市黄埔区广州国际生物岛宇二路10号标准产业单元四期配套项目B栋第8层

南京公司：南京市江北新区雨合路6号光电科技园C座803

生产基地：成都市双流区凤凰路618号天府国际生物医学产业加速器6栋附104

# Company Profile

## 公司介绍

齐碳科技创立于2016年，致力于纳米孔基因测序仪及配套芯片、试剂的自主研发、制造与应用开发，是中国首家成功研发出纳米孔基因测序仪原理样机、工程样机、产品样机并推出商业化产品的企业，总部位于成都，在北京、广州、南京设研发中心。

2022年，齐碳科技开启商业化，通过技术迭代与产品研发，逐步完善产品矩阵。目前，齐碳科技形成以多款纳米孔基因测序仪为核心，配套有芯片、试剂及软件的测序平台，此外，还有实验室自动化、生信分析等应用支撑产品，为用户提供贯穿纳米孔测序全流程的解决方案。

纳米孔测序是全球最新一代已商业化的基因测序技术，凭借其长读长、实时测序、灵活便携等优势，将不断拓展基因测序应用场景。作为全球少数全面掌握这一技术并将之推向商业化的高科技企业，齐碳科技将持续探索前沿技术与升级迭代产品，为生命科学及相关领域的研究及应用提供更便捷有效的解决方案，从上游推动基因行业高质量发展，让生命的信息触手可及。

Gene Code at Your Fingertips

扫码关注  
齐碳科技



# Technical Principle

## 技术原理

纳米孔链测序法是齐碳科技基因测序仪的核心技术路线。纳米孔链测序法是指将单个核酸分子在电场力驱动和控速蛋白的双重作用下，以连续的单链核酸分子形式穿过纳米尺寸的蛋白孔道，当不同碱基通过时，会对孔道内的离子电流产生不同程度的阻断，因此可以通过捕捉随时间变化的电流信号实时地识别其碱基排列信息，从而实现了对核酸分子的测序。

### 控速蛋白

控制单链核酸分子过孔的速度

### 纳米孔蛋白

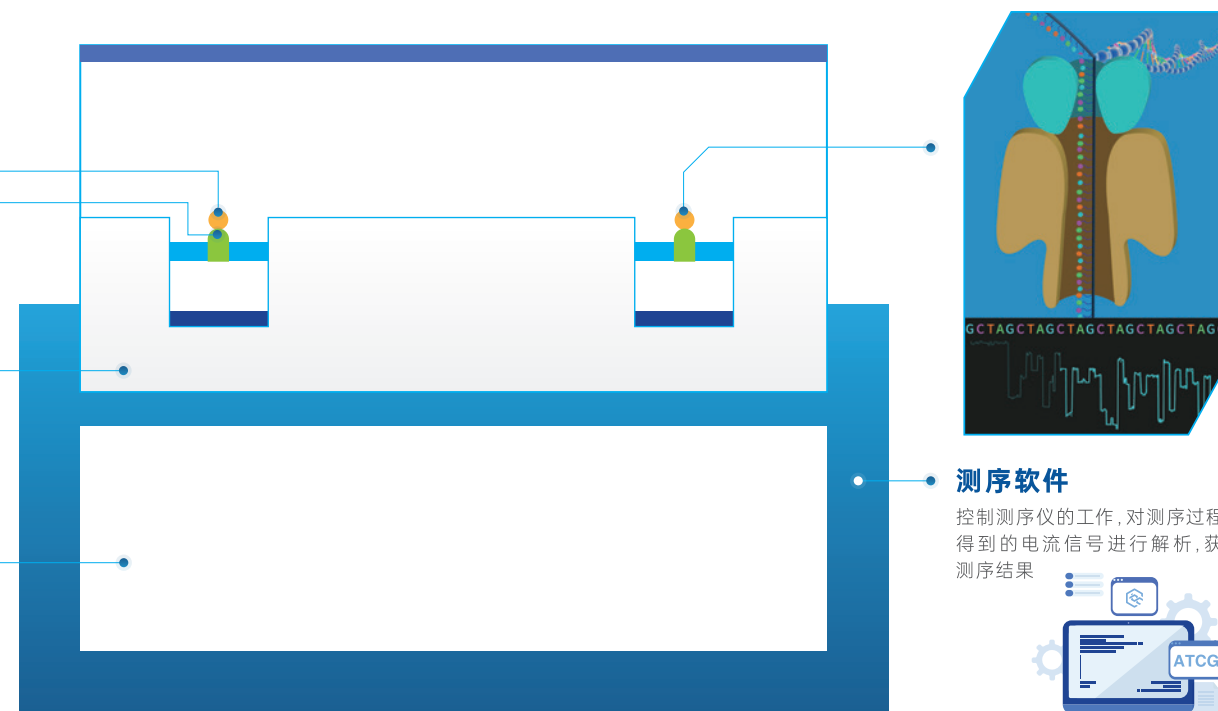
构成溶液和单链核酸分子在电泳作用下运动的通道

### 流体芯片

为纳米孔提供结构支撑，为电泳过程提供电化学环境

### 信号处理电路

为电泳提供偏置电压并测量各个通道的电流



### 测序软件

控制测序仪的工作，对测序过程中得到的电流信号进行解析，获得测序结果

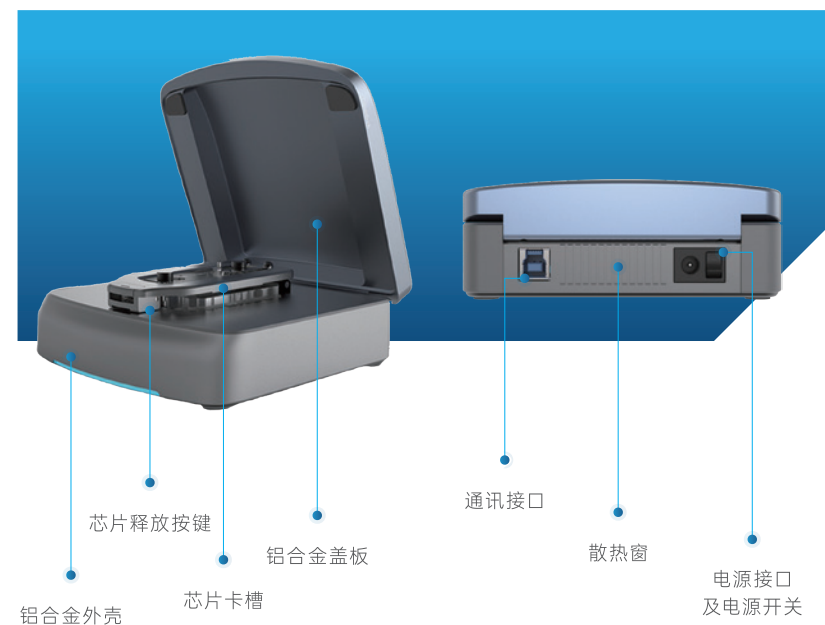


# QNome

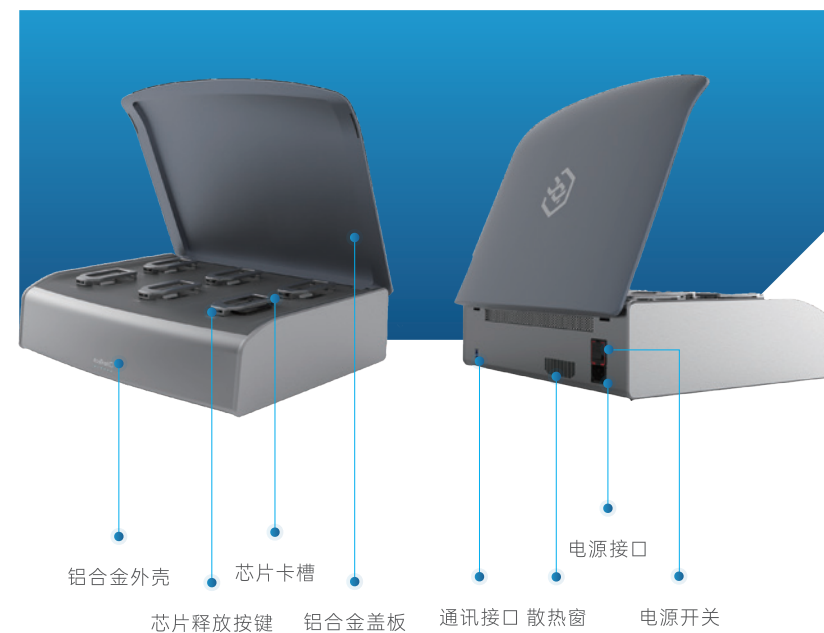
## 纳米孔测序平台

QNome 平台是齐碳科技推出的国内首个商业化的纳米孔基因测序平台,可开展小型基因组测序、靶向测序、宏基因组测序等应用。同时,QNome 平台为用户提供便携式、桌面式两款测序设备,满足用户更多元的测序需求。

### QNome-3841 便携式纳米孔测序仪



### QNome-3841hex 桌面式纳米孔测序仪



## 性能参数

| 测序平台          | 单次运行最大芯片数 | 单芯片通道数 | 单平台设计通量* | 测序时间**   | 最长测序读长 | 测序速度        | 单次准确率              | 一致性准确率 (70X)              |
|---------------|-----------|--------|----------|----------|--------|-------------|--------------------|---------------------------|
| QNome-3841    | 1         | 384    | 5Gb      | 1min~72h | >4Mb   | 350~450bp/s | V1芯片92%<br>V2芯片97% | V1芯片99.99%<br>V2芯片99.999% |
| QNome-3841hex | 6         |        | 30Gb     |          |        |             |                    |                           |

\* 数据量与测序时间相关,时间越长,数据产出越多

\*\* 实时测序技术,测序启动1min即可产出数据,可根据实验目的,自主控制测序时间,最高可达72小时



# Key Features

## 产品特点



Gene Code at Your Fingertips  
让生命的信息触手可及

### 长读长

Mb 级长读长,可全面展示目标基因序列信息,更有利于检测基因组复杂区域和结构变异

### 直接测序

可直接对目标核酸进行检测,无需PCR 扩增,有效降低测序误差

### 操作精简

文库制备简单快捷;配套齐碳自研的测序系统,一键开启测序流程

### 速度快

可实时输出测序结果,边测边分析,节省大量时间

### 小巧便携

测序设备体积小、重量轻,可携带至现场,从源头进行样本测序

### 成本低

相比于传统基因测序仪,设备价格更为亲民,开机成本低,无需凑样,天天开机无压力



# 纳米孔基因测序全流程解决方案

简单、快速的测序流程，让测序数据获取更加高效

Gene Code at Your Fingertips  
让生命的信息触手可及

样本采集及核酸提取

文库制备(30min-2h)

测序及分析(1min-72h)

生信分析

微生物菌体  
植物组织  
动物组织  
血液  
唾液  
毛发  
粪便

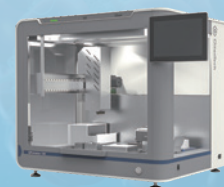
核酸



建库试剂盒



PCR 条形码试剂盒



自动化移液工作站  
QPrenano-100



QCell-384



测序试剂盒



QNome-3841hex

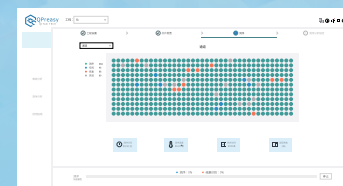


QNome-3841

实时Basecall



高性能工作站



单机版测序软件  
(数据分析服务器)



测序云平台  
(分布式系统)

基因突变分析工具  
病原体快检分析工具  
基因组组装分析工具

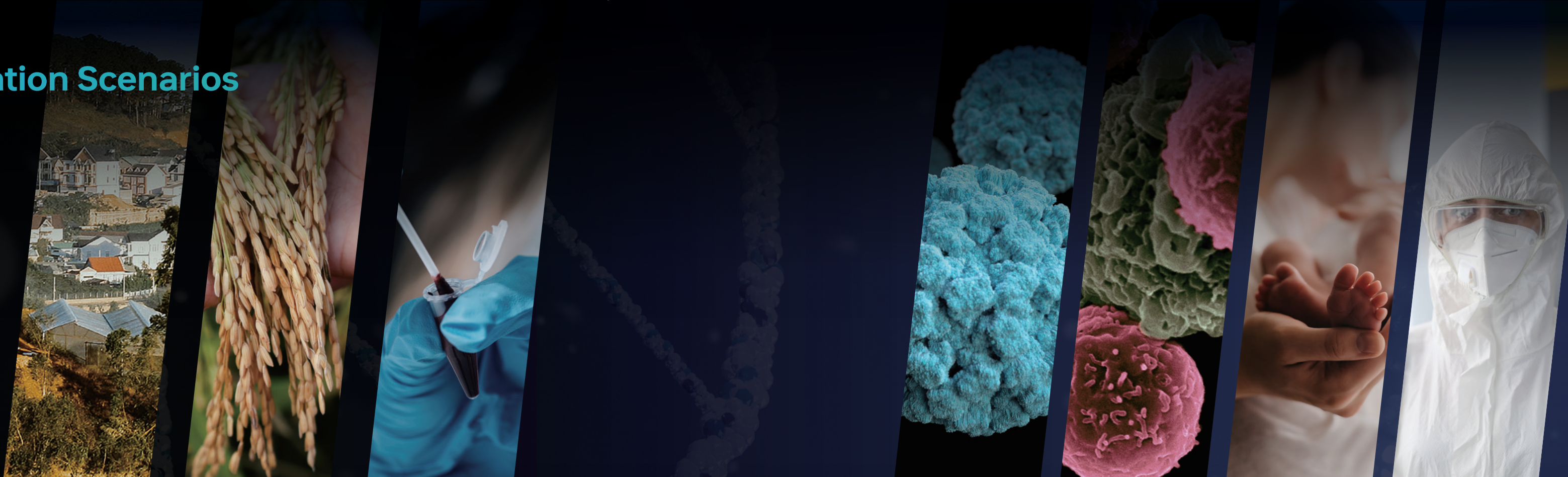
...

支持超过50种以上  
开源生信分析工具



# Diversified Application Scenarios

## 多元应用场景



### 非医疗健康领域

生物多样性保护、食品及中药材同源鉴定、海关检验检疫.....

#### 环境监测和保护

对当地环境中的生物（动物、植物、微生物）样本进行基因测序，能全面了解当地大气、水体、土壤等生态环境，全面掌控环境污染、气候变化等信息。

#### 农业育种与病害防控

通过检测经济作物及动物的基因序列，健全农林生态基因库信息，筛选、培育适应环境特点及产业规划方向的优良品种，防控农林生物可能面临的健康风险。

#### 司法鉴定

通过鉴定犯罪嫌疑人或受害者的生物学样本进行身份识别，提供无可辩驳的有力证据，为快速破案提供帮助。

### 医疗健康领域

医学基础研究、感染精准诊断、生殖健康、新药研发、药物基因组学.....

#### 病原体研究

长读长测序，能够全面掌握病原体基因信息，测序速度快，更适合检测快速变异的病原体。

#### 肿瘤诊断

长读长测序能够更完整全面地了解肿瘤准确信息，更有效地检测结构变异。

#### 遗传病检测

更适合检测基因结构变异，超长读长能够获得丰富的基因信息，精准锁定致病基因。

#### 公共卫生与防疫

仪器小巧便携，实时输出测序结果，在重大突发公共卫生事件当中，可随时随地深入基层一线，当场检测，快速查找问题源头，减少信息损失。



# Sequencing Data

## 实测数据

### 某细菌基因组组装

纳米孔测序技术读长长, 无测序偏好, 特别适用于小型基因组测序组装。

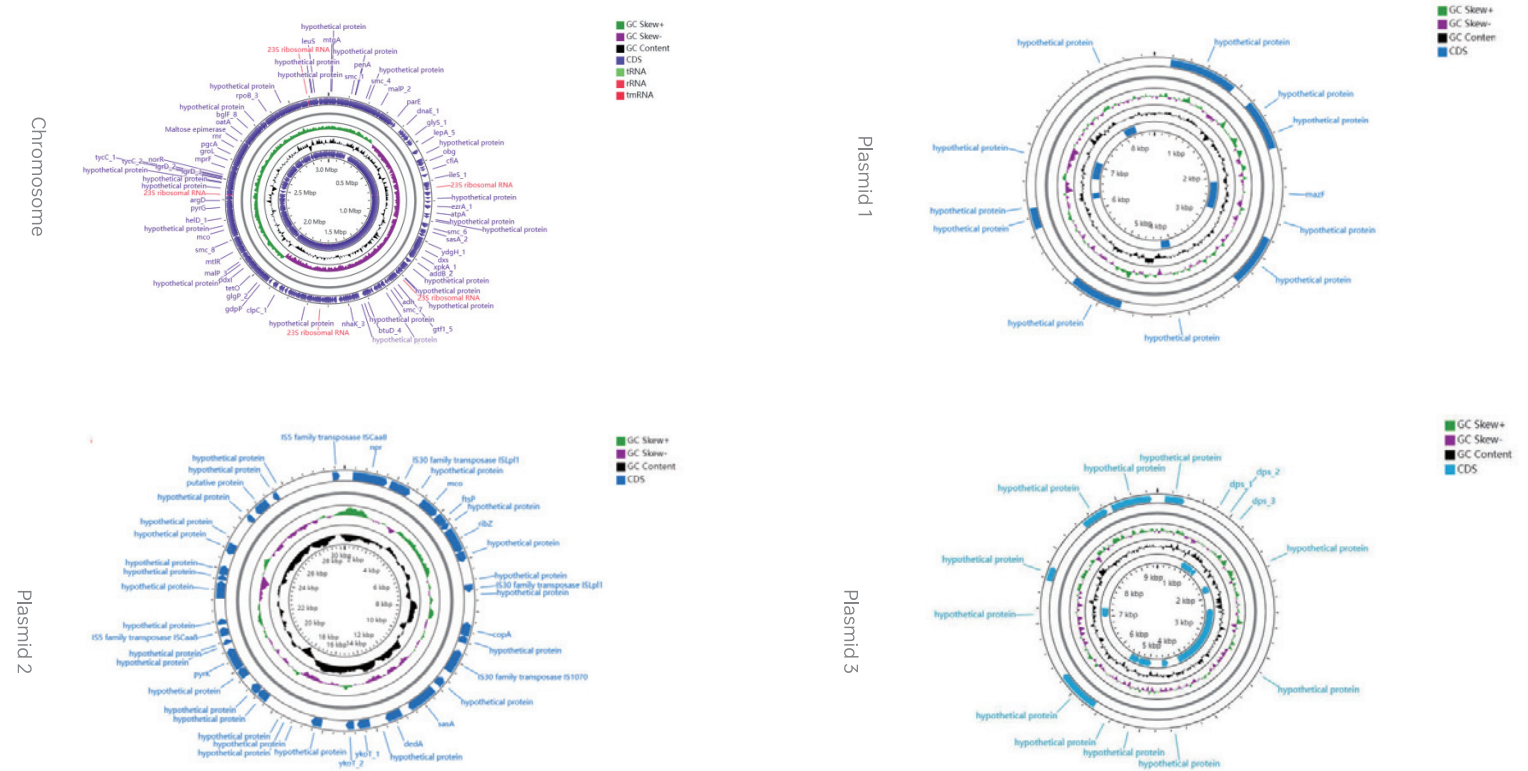
- 检测内容:** 使用QNome纳米孔测序平台, 利用其长读长优势, 对纯培养的细菌gDNA直接测序和从头组装, 并利用二代测序数据进行校正。

- 检测结果:** 测序结果显示, read length N50约14Kb, 最长reads达到100Kb以上。经过对测序数据进行组装分析, 获得了完整基因组圈图以及3个完整质粒圈图。

| 数据概况          | 检测数据       |
|---------------|------------|
| 总通量/Mb        | 807.24     |
| Reads数        | 154,729.00 |
| Reads长度N50/bp | 13,909.00  |

| ID      | Bases   | Genome     |
|---------|---------|------------|
| contig1 | 3194771 | Chromosome |
| contig2 | 8737    | Plasmid 1  |
| contig3 | 9543    | Plasmid 2  |
| contig4 | 30369   | Plasmid 3  |

基因组组装数据统计



基因组和质粒圈图

注: 圈1表示 COG 功能; 圈2表示 gc skew(G-C)/(G+C); 圈3表示 GC 含量;

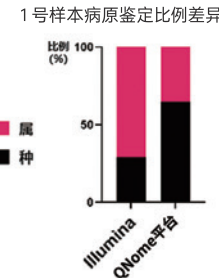


### 下呼吸道感染宏基因组检测

下呼吸道感染是目前全球感染性疾病死亡的主要原因, 纳米孔测序技术可为临床疑似感染病例的诊断提供非常重要的病原学证据。

#### ■ 检测内容:

对5名高度疑似下呼吸道感染患者的深部痰液样本, 通过开发高效的去除宿主核酸的方法, 使用QNome纳米孔测序平台进行宏基因组测序, 并将测序结果与临床培养结果及二代测序结果进行比较。

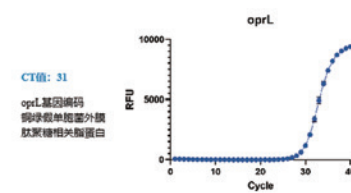


图为1号样本, 二代测序与纳米孔测序结果数据分析时在“种”与“属”的病原鉴定上的比例差异。由于纳米孔测序长读的优势, 其对比上“种”的准确率远高于二代测序。

#### ■ 检测结果:

通过齐碳科技自主开发的宏基因组测序解决方案, 可在4小时内完成去宿主处理、提取DNA、进行基于转座酶的DNA建库。检测结果与临床培养相比, 结果高度一致且能够发现更多致病菌 (qPCR验证阳性); 与二代测序相比, 结果一致, 但QNome纳米孔测序平台操作更简单, 速度更快。

2号样本qPCR验证结果: 铜绿假单胞菌阳性



图为2号样本的铜绿假单胞菌, 经qPCR验证无误。纳米孔测序结果与二代测序结果一致。

| NO. | 临床培养结果      |                    | 纳米孔测序结果               |       | 二代测序结果          |                       |       |
|-----|-------------|--------------------|-----------------------|-------|-----------------|-----------------------|-------|
|     | 物种名称        | 数据量/reads数/平均长度    | 物种名称                  | 比例(%) | 数据量/reads数/平均长度 | 物种名称                  | 比例(%) |
| 1   | 大肠埃希菌 (G-)  | 485Mbp             | 人                     | 48.90 | 1275Mbp         | 人                     | 92.75 |
|     | 肺炎克雷伯菌 (G-) | 0.47Mreads<br>1577 | 大肠埃希菌 (G-)            | 28.41 | 17Mreads        | 大肠埃希菌 (G-)            | 1.56  |
|     |             |                    | 肺炎克雷伯菌 (G-)           | 11.89 | 50              | 肺炎克雷伯菌 (G-)           | 0.82  |
| 2   | 鲍曼不动杆菌 (G-) | 701Mbp             | 铜绿假单胞菌 (G-, qPCR验证阳性) | 48.00 | 1653Mbp         | 铜绿假单胞菌 (G-, qPCR验证阳性) | 56    |
|     |             | 0.58Mreads<br>1198 | 鲍曼不动杆菌 (G-)           | 6.69  | 22Mreads        | 人                     | 29.15 |
|     |             |                    | 人                     | 4.64  | 50              | 鲍曼不动杆菌 (G-)           | 3.64  |
| 3   | 肺炎克雷伯菌 (G-) | 485Mbp             | 肺炎克雷伯菌 (G-)           | 43.90 | 1658Mbp         | 肺炎克雷伯菌 (G-)           | 44.78 |
|     |             | 0.47Mreads<br>900  | 人                     | 5.62  | 22Mreads<br>50  | 人                     | 19.09 |
| 4   | 铜绿假单胞菌 (G-) | 554Mbp             | 人                     | 37.08 | 1840Mbp         | 人                     | 76.52 |
|     |             | 0.46Mreads<br>1026 | 铜绿假单胞菌 (G-)           | 17.34 | 24Mreads<br>50  | 铜绿假单胞菌 (G-)           | 10.83 |
| 5   | 产气克雷伯菌 (G-) | 533Mbp             | 产气克雷伯菌 (G-)           | 81.28 | 1784Mbp         | 产气克雷伯菌 (G-)           | 86.76 |
|     |             | 0.43Mreads<br>969  | 人                     | 3.03  | 23Mreads<br>50  | 人                     | 7.81  |

### 基因组水平的病原菌监测溯源

近年来, 携带可移动的多重耐药外排泵基因簇 (tmexCD-toprJ) 的肺炎克雷伯菌在我国临床患者、动物和零售肉类样本中不断发现, 其介导了对包括替加环素这一人类面临多重耐药肠杆菌科细菌感染的“最后一道防线”在内的多重耐药性。

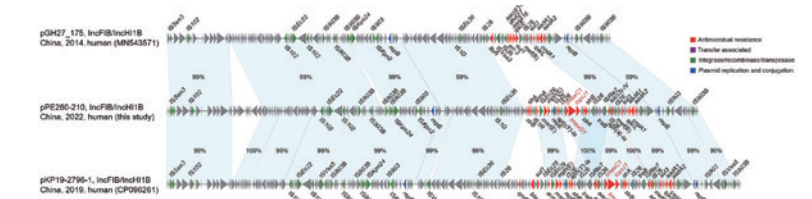
齐碳科技和北京大学第三医院、清华大学附属北京清华长庚医院深度合作, 应用齐碳纳米孔测序平台在临床病原监测中新发现了多种携带tmexCD-toprJ的肺炎克雷伯菌亚型, 结果发表于国际顶级微生物专业期刊Lancet Microbe。团队继续同扬州大学等单位开展合作, 在临床和养殖动物中应用齐碳纳米孔测序平台继续开展携带tmexCD-toprJ肺炎克雷伯菌的监测和研究。

#### ■ 检测内容:

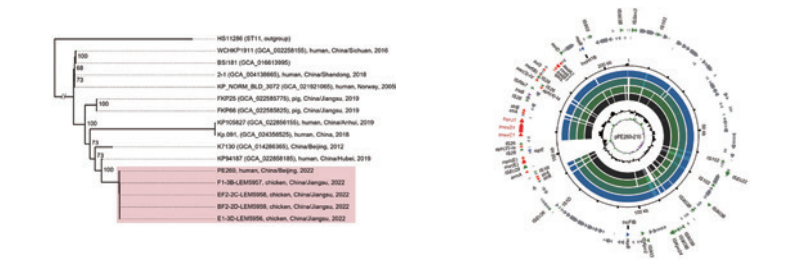
通过纳米孔基因组测序技术, 对临床新出现的携带tmexCD-toprJ的肺炎克雷伯菌进行了广泛研究, 开展临床重要病原的院内监测。

#### ■ 检测结果:

基于齐碳纳米孔基因组测序平台, 首次发现携带tmexCD-toprJ的肺炎克雷伯菌在临床和养殖动物中的克隆传播。



临床分离菌株中携带tmexCD-toprJ的质粒基因预测和与已发表质粒序列的线性比对图



我国临床和养殖动物中携带tmexCD-toprJ的ST726型肺炎克雷伯菌的系统发育关系

临床和养殖动物分离菌株中携带tmexCD-toprJ的质粒基因预测和环形比对图

### 法医微单倍型分型

DNA 遗传标记广泛应用于法医物证鉴定领域, 纳米孔测序技术可用于不同种类的DNA 遗传标记鉴定或分型。

- **检测内容:** 对通过多重PCR扩增了法医微单倍型位点 (MH marker, 在一定DNA片段范围内至少有两个SNP连锁位点) 的样本, 同时使用QNome纳米孔测序平台及二代测序平台进行测序, 并识别微单倍型信息。
- **检测结果:** 对于所有测序样本共2310个allele, QNome纳米孔测序平台与二代测序平台微单倍型分型一致率为99.83%, 基本可以准确识别微单倍型信息。



**Table 2**  
Inconsistent results between nanopore sequencing and MPS.

|        |                         | mh03HYP09 | mh08HYP22 | mh07HYP19 | mh20HYP41 | mh01HYP02 | mh07HYP20 |
|--------|-------------------------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|-----------|
| MPS    | MH profile <sup>a</sup> | GT/AT     | TG/TA     | CA/CA     | CT/CT     | AC/AC     | GA/GT     |
| QNome  | CH54                    | GT/GT     |           |           |           |           |           |
|        | DT17                    |           | TG/AA     |           |           |           |           |
|        | DT48                    |           |           | CA/AA     |           |           |           |
| MinION | MLT28                   |           |           |           | CT/GT     |           |           |
|        | Y167                    |           |           |           |           | AC/GC     |           |
|        | 9947A-3                 |           |           |           |           |           | GA/AT     |

<sup>a</sup> The reference genotype of the specific MH of the corresponding sample. Inconsistent results are indicated in bold.

纳米孔测序和MPS 的测序数据对比

### 法医STR分型

STR 位点多态性高, 在人群中的重复次数变化多样, 纳米孔测序技术因为可以支持不同长度的DNA 片段的测序, 所以可以较好的适应不同片段长度的STR 测序分型。

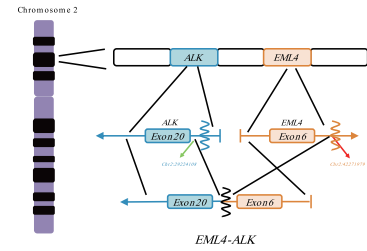
- **检测内容:** STR (短串联重复序列)是存在于人类基因组DNA 中的一类具有长度多态性的DNA 序列, 由2-6 个碱基的重复单位串联构成, 是目前法医物证鉴定中应用最广泛的遗传标记。齐碳自主开发了两款法医鉴定试剂盒, 对最新《法庭科学DNA 数据库选用的基因座及其数据结构》国家标准中全部38 个A 类常染色体与Y 染色体STR 位点进行测序分析。
- **检测结果:** 2800M 标准品的全部38 个A 类位点, 可获得100% 的STR 分型准确性。

| STR位点       | TP01 | D1S1228 | D1S206 | PLA   | D6S1010 | CSF1PO | D6S1043 | D12S290 | D5S2119 | TH01  | vHL   | D15S200 | D13S217 | Prora E | D16S1010 | D15S1010 | D19S433 | D13S111 | Prora D | D13S200 | D15S1010 | D16S1010 | D15S1010 | D16S1010 | D13S200 | D15S1010 | D16S1010 | D13S200 | D15S1010 | D16S1010 | 1<-113-84 | D15S1010 | D16S1010 | D13S200 | D15S1010 |       |    |    |
|-------------|------|---------|--------|-------|---------|--------|---------|---------|---------|-------|-------|---------|---------|---------|----------|----------|---------|---------|---------|---------|----------|----------|----------|----------|---------|----------|----------|---------|----------|----------|-----------|----------|----------|---------|----------|-------|----|----|
| 2800M (标准品) | 11   | 22,25   | 17,18  | 20,21 | 12      | 12     | 12,20   | 8,11    | 14,15   | 6,9,9 | 16,19 | 10,23   | 9,11    | 7,14    | 9,13     | 16,18    | 13,14   | 20,31,2 | 12,13   | 13      | 17       | 15       | 17       | 22       | 14      | 10       | 21       | 14      | 12       | 14       | 21        | 9        | 24       | 12      | 11       | 13,16 | 13 | 19 |
| 重复1         | 11   | 22,25   | 17,18  | 20,21 | 12      | 12     | 12,20   | 8,11    | 14,15   | 6,9,9 | 16,19 | 10,23   | 9,11    | 7,14    | 9,13     | 16,18    | 13,14   | 20,31,2 | 12,13   | 13      | 17       | 15       | 17       | 22       | 14      | 10       | 21       | 14      | 12       | 14       | 21        | 9        | 24       | 12      | 11       | 13,16 | 13 | 19 |
| 重复2         | 11   | 22,25   | 17,18  | 20,21 | 12      | 12     | 12,20   | 8,11    | 14,15   | 6,9,9 | 16,19 | 10,23   | 9,11    | 7,14    | 9,13     | 16,18    | 13,14   | 20,31,2 | 12,13   | 13      | 17       | 15       | 17       | 22       | 14      | 10       | 21       | 14      | 12       | 14       | 21        | 9        | 24       | 12      | 11       | 13,16 | 13 | 19 |
| 重复3         | 11   | 22,25   | 17,18  | 20,21 | 12      | 12     | 12,20   | 8,11    | 14,15   | 6,9,9 | 16,19 | 10,23   | 9,11    | 7,14    | 9,13     | 16,18    | 13,14   | 20,31,2 | 12,13   | 13      | 17       | 15       | 17       | 22       | 14      | 10       | 21       | 14      | 12       | 14       | 21        | 9        | 24       | 12      | 11       | 13,16 | 13 | 19 |
| 重复4         | 11   | 22,25   | 17,18  | 20,21 | 12      | 12     | 12,20   | 8,11    | 14,15   | 6,9,9 | 16,19 | 10,23   | 9,11    | 7,14    | 9,13     | 16,18    | 13,14   | 20,31,2 | 12,13   | 13      | 17       | 15       | 17       | 22       | 14      | 10       | 21       | 14      | 12       | 14       | 21        | 9        | 24       | 12      | 11       | 13,16 | 13 | 19 |
| 重复5         | 11   | 22,25   | 17,18  | 20,21 | 12      | 12     | 12,20   | 8,11    | 14,15   | 6,9,9 | 16,19 | 10,23   | 9,11    | 7,14    | 9,13     | 16,18    | 13,14   | 20,31,2 | 12,13   | 13      | 17       | 15       | 17       | 22       | 14      | 10       | 21       | 14      | 12       | 14       | 21        | 9        | 24       | 12      | 11       | 13,16 | 13 | 19 |
| 重复6         | 11   | 22,25   | 17,18  | 20,21 | 12      | 12     | 12,20   | 8,11    | 14,15   | 6,9,9 | 16,19 | 10,23   | 9,11    | 7,14    | 9,13     | 16,18    | 13,14   | 20,31,2 | 12,13   | 13      | 17       | 15       | 17       | 22       | 14      | 10       | 21       | 14      | 12       | 14       | 21        | 9        | 24       | 12      | 11       | 13,16 | 13 | 19 |

### 肿瘤融合基因检测

融合基因的检测对于肿瘤的诊断和治疗具有十分重要的意义, 纳米孔基因测序平台长读长的特点, 十分适用于融合基因的检测。

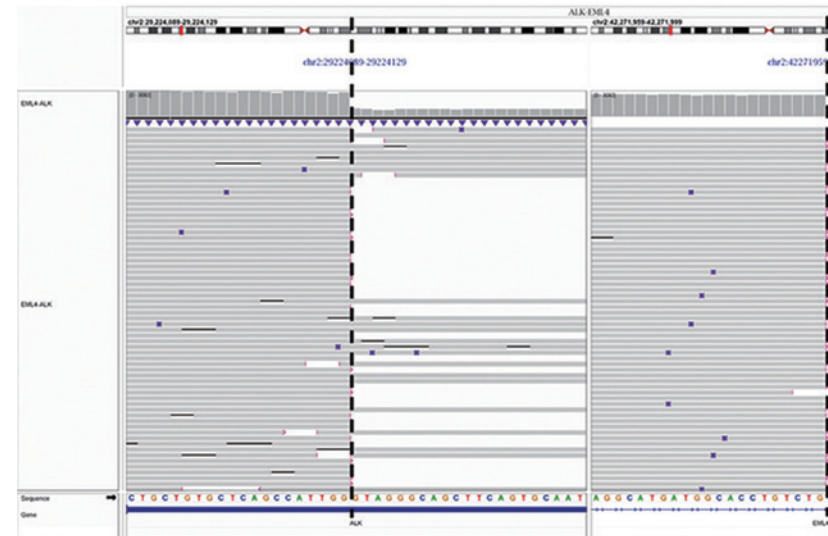
- 检测内容:** 对突变频率 (AF) 为 5% 的 EML4-ALK 融合标准品样本 (ALK 单端设计引物), 以及分别用阴性 DNA 稀释到 1%, 0.5% 和 0.1% 的标准品样本进行融合基因捕获和测序。
- 检测结果:** 通过开发的未知融合基因捕获方法, 结合纳米孔测序技术, 可以对肿瘤标准品中低至 0.5% 的融合基因定性检出, 且捕获基因的片段长度最长达到 10kb。



EML4-ALK 基因融合示意图  
(标准品断点信息: EML4:chr2:42271979 ALK:chr2:29224108)

| 样本          | 测序数据量 | fusion   | DV/DR       | AF    |
|-------------|-------|----------|-------------|-------|
| 5%gDNA标准品   | 332M  | EML4-ALK | 7296/150455 | 4.85% |
| 1%gDNA标准品   | 253M  | EML4-ALK | 3226/200338 | 1.61% |
| 0.5%gDNA标准品 | 180M  | EML4-ALK | 1023/128272 | 0.80% |
| 0.1%gDNA标准品 | 296M  | EML4-ALK | 79/120841   | 0.07% |

不同浓度融合基因 EML4-ALK 标准品融合占比数据 (实验组均设 3 次重复)  
DR: high-quality depth of reference reads;  
DV: high-quality depth of variant reads

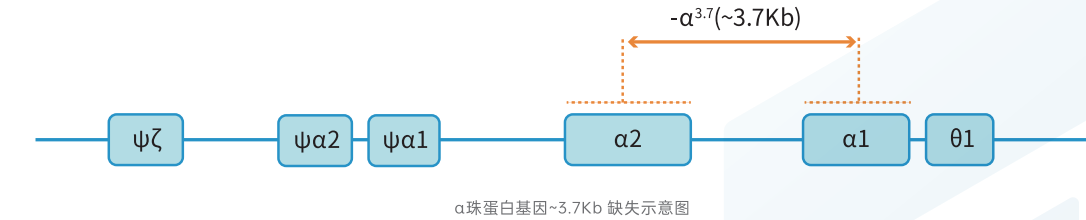


融合基因 EML4-ALK 通过纳米孔测序平台所得的融合位点对 (垂直黑色虚线表示断点发生位置)

### 地中海贫血基因结构变异检测

地中海贫血是遗传性血液疾病, 造成血红蛋白合成障碍。纳米孔基因测序技术, 读长长、无测序偏好, 适用于长片段结构变异检测。

- 检测内容:** 对 8 例样本的  $\alpha$  和  $\beta$  珠蛋白基因 PCR 扩增后, 添加 barcode 序列构建文库, 在 QNome-3841 平台进行测序。
- 检测结果:** QNome 测序数据经过分析, 可以准确检测  $\alpha$  珠蛋白基因片段缺失, 有效区分基因型, 并且检测结果与真实基因型一致。



$\alpha$  珠蛋白基因 ~3.7Kb 缺失示意图

| 样本名称 | 数据量 (Mb) | Reads 数量 | Read长度N50 (bp) | 真实基因型                            | 检测结果                             |
|------|----------|----------|----------------|----------------------------------|----------------------------------|
| 样本1  | 137.5    | 16,491   | 13,846         | +/+; $\beta/\beta$               | +/+; $\beta/\beta$               |
| 样本2  | 145.9    | 17,484   | 13,819         | +/+; $\beta/\beta$               | +/+; $\beta/\beta$               |
| 样本3  | 173.0    | 19,346   | 13,782         | +/+; $\beta/\beta$               | +/+; $\beta/\beta$               |
| 样本4  | 207.0    | 25,520   | 13,121         | +/+; $\beta/\beta$               | +/+; $\beta/\beta$               |
| 样本5  | 124.6    | 17,368   | 13,803         | $-\alpha^{3.7}/+;$ $\beta/\beta$ | $-\alpha^{3.7}/+;$ $\beta/\beta$ |
| 样本6  | 171.8    | 25,731   | 11,541         | $-\alpha^{3.7}/+;$ $\beta/\beta$ | $-\alpha^{3.7}/+;$ $\beta/\beta$ |
| 样本7  | 133.4    | 18,951   | 9,387          | $-\alpha^{3.7}/+;$ $\beta/\beta$ | $-\alpha^{3.7}/+;$ $\beta/\beta$ |
| 样本8  | 132.7    | 26,132   | 9,394          | +/+; $\beta/\beta$               | +/+; $\beta/\beta$               |

地中海贫血基因结构变异检测



### 弓形虫基因组组装

纳米孔基因测序技术, 读长长、无测序偏好, 特别适用于小型基因组测序组装, 及复杂区域和结构变异解析。

- **检测内容:** 使用齐碳自主研发的QNome 纳米孔测序平台, 利用其长读长优势, 对纯培养的弓形虫gDNA 直接测序后, 进行基因组从头组装, 并使用短读长测序数据对组装结果进行矫正。
- **检测结果:** 测序结果显示, reads长度N50约15Kb, 最长reads达到95Kb 以上。经过组装和校正后的基因组大小为64,971,828bp。使用BUSCO对组装结果进行评估, 单拷贝同源基因比例高达98.9%。并且Circos图也显示组装结果和参考基因组表现出高度同线性。

表1 基因组组装结果

|                   |            |
|-------------------|------------|
| 组装基因组大小 (bp)      | 64,971,828 |
| Scaffold数         | 23         |
| Scaffold N50 (bp) | 6,516,334  |
| 参考基因组覆盖碱基数(bp)    | 63,638,662 |
| 参考基因组覆盖比例(%)      | 95.791     |
| 组装准确度(%)          | 99.558     |

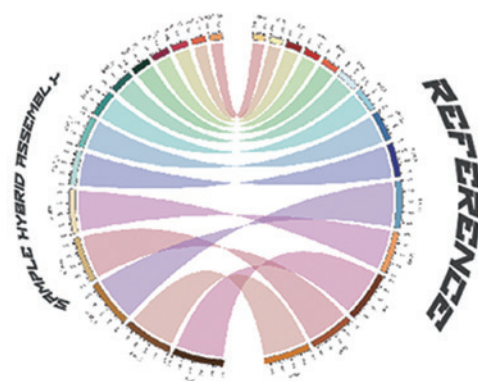


图1 组装基因组Circos图

| 数据概况           | 检测数据      |
|----------------|-----------|
| 总数据量/Mb        | 6,096.05  |
| Reads 数        | 1,149,210 |
| Reads 长度N50/bp | 15,328    |

### 植物物种鉴定

中国植物物种丰富, 具有大量有经济价值的植物, 纳米孔基因测序技术适用于植物保守区域测序组装与植物物种鉴定。

- **检测内容:** 通过对7个植物基因组的保守区域扩增后, 使用QNome 纳米孔测序平台进行测序, 并使用自主研发的分析流程对数据进行分析, 每个样本最终生成3 条一致性序列。并将产生的一致性序列与一代测序结果进行比对。
- **检测结果:** 对7个样本的QNome 纳米孔测序平台测序数据进行评估, 序列一致性介于99.637~100%, 覆盖度100%。可以成功对植物物种进行鉴定。

检测数据

| 数据概况          | 样本1    | 样本2     | 样本3     | 样本4     | 样本5     | 样本6     | 样本7     |
|---------------|--------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| 总通量/Mb        | 10.36  | 50.45   | 146.84  | 100.68  | 248.59  | 82.56   | 140.98  |
| Reads数        | 22,787 | 108,460 | 305,928 | 225,209 | 535,580 | 177,549 | 302,325 |
| Reads长度N50/bp | 454    | 465     | 479     | 447     | 464     | 465     | 466     |

分析结果

| ID         | 样本1          |              | 样本2          |              | 样本3          |              | 样本4          |              | 样本5          |              | 样本6          |              | 样本7          |              |
|------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|--------------|
|            | identity (%) | coverage (%) | identity (%) | coverage (%) | identity (%) | coverage (%) | identity (%) | coverage (%) | identity (%) | coverage (%) | identity (%) | coverage (%) | identity (%) | coverage (%) |
| consensus1 | 99.573       | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 99.537       | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          |
| consensus2 | 99.573       | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 99.537       | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          |
| consensus3 | 99.573       | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 99.537       | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          | 100          |

# Specifications

## 规格参数

| 产品型号   | /   | QNome-3841                   | QNome-3841hex                |
|--------|-----|------------------------------|------------------------------|
| 产品外观   | 尺寸  | 122mm*126mm*48mm             | 400mm*321mm*120mm            |
|        | 净重  | 0.8kg                        | 10kg                         |
| 存储环境   | 温度  | 10°C-30°C                    | 10°C-30°C                    |
|        | 湿度  | 10%-80%                      | 10%-80%                      |
| 工作环境   | 温度  | 10°C-25°C                    | 10°C-25°C                    |
|        | 湿度  | 35%-85%, 无凝结                 | 35%-85%, 无凝结                 |
| 电源     | /   | DC12V,24W                    | 100-240VAC(50/60Hz),120W     |
| 系统硬件参数 | 系统  | Ubuntu 22.04LTS              | Ubuntu 22.04LTS              |
|        | 内存  | 32GB RAM                     | 64GB RAM                     |
|        | 硬盘  | 2T SSD                       | 2T SSD                       |
|        | GPU | NVIDIA RTX A4000             | NVIDIA RTX A4000*2           |
|        | CPU | Intel Core i5 or AMD Ryzen 7 | Intel Core i7 or AMD Ryzen 7 |

# Technical Support & Service

## 技术支持与服务

齐碳科技在中国多个地区设有技术服务中心和办事处,我们将第一时间响应客户需求,提供高效优质的售后服务。

提供免费的安装调试和性能测试服务



完善的零备件供应体系,方便用户购买消耗品和零备件



提供系统的技术培训和人员培训



提供长期技术支持服务,24小时内响应,48小时内到达现场



保修期内,为出现故障的设备提供备用机

